

## ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ МТДНК У КОРЕННОГО НАСЕЛЕНИЯ КАЗАХСТАНА

**Е.В. Жолдыбаева, П.В. Тарлыков, К.Т. Момыналиев, Е.М. Раманкулов**

*РГП «Национальный центр биотехнологии» КН МОН РК, Астана*

Исследование генома митохондрий (16569 п.н.) позволяет проводить анализ материнских линий во времени, так как мтДНК передается только от матери к ребенку – матрилинейно и гаплотипически.

Территория Средней Азии, в частности Казахстана, представляет особый интерес для популяционных исследований. В древности, на протяжении 2-3 тыс. лет, шло слияние двух групп населения – ираноязычного и тюркского. Таким образом, происходил процесс, в ходе которого осуществлялась консолидация, и сформировались этнические общности. Именно из их среды во втором тысячелетии нашей эры сложились казахский, узбекский, киргизский, каракалпакский и другие народы, на формирование которых оказывал мощное воздействие Великий шелковый путь, соединении двух великих цивилизаций – западной и восточной. Вышеописанные события наложили отпечаток на формирование генофонда современного коренного населения Казахстана.

Цель исследования являлось изучение генетического многообразие коренного населения, проживающего на территории Казахстана на основе анализа мтДНК.

Материалом для исследования – цельная венозная кровь, собранная от добровольцев, которые являлись не родственными между собой коренными жителями Казахстана. Все обследованные индивидуумы анкетированы по единой программе (информация о предках до третьего поколения). Геномную ДНК выделяли из венозной крови с помощью набора Wizard® genomic DNA Purification kit, фирмы Promega в соответствии с протоколами изготовителя. Полный геном мтДНК определяли используя 32 перекрывающихся фрагмента ДНК (Nicole Maca-Meyer, 2001). Определение нуклеотидной последовательности проводили на автоматическом генетическом анализаторе 3730XL Genetic Analyzer, фирмы Applied Biosystems. Для выявления полиморфизмов мтДНК проводили сравнение с эталонной последовательностью мтДНК). Данный анализ проводили с помощью компьютерной программы SeqScape v 2.6, фирмы Applied Biosystems. Для идентификации гаплогрупп использовали mtDNA tree Build 9 (<http://www.phylotree.org>).

Результаты предварительного исследования показали высокое генетическое разнообразие в казахской популяции. Макрогруппа М, которая характерна для азиатских популяций обнаружена с частотой 28 %, субкластер D4 – с частотой 17 %. Гаплогруппы, входящие в М: гаплогруппа С встречалась в исследуемой казахской популяции с частотой 3,8 %, гаплогруппа G – с частотой 3,8 %, гаплогруппа M7b – с частотой 3,8 %, гаплогруппа

гаплогруппа M8 – с частотой 0,9 %. Результаты анализа мтДНК показали, что наряду с типично монголоидными группами присутствуют и европеоидные линии. Такие как гаплогруппы H (8 %), U (7 %), T (7 %), J (5 %), 11,9 % приходится на остальные гаплогруппы, которые встречались относительно с невысокой частотой (K1, F1a1, A, W).

Результаты дальнейших исследований позволят построить медианные сети на основе расшифрованных полных геномов мтДНК.

## **ИНДУКЦИЯ *PR*-ГЕНОВ РАСТЕНИЙ *SOLANUM LYCOPERSICUM* ПРИ СОВМЕСТИМОМ И НЕСОВМЕСТИМОМ ВЗАИМОДЕЙСТВИИ С ГРИБНЫМ ПАТОГЕНОМ *CLADOSPORIUM FULVUM***

**Чжан Янь (КНР), Е.А. Николайчик, В.Д. Поликсенова**

*Биологический факультет БГУ, кафедра молекулярной биологии,  
email:zhangyanxxd@mail.ru*

В процессе эволюции у растений выработался уникальный защитный механизм, позволяющий выживать в неблагоприятных условиях окружающей среды. Речь идет о сигнальной сети, воспринимающей такие внешние сигналы и модулирующей экспрессию специфических генов устойчивости. На данный момент с помощью биохимических и молекулярно-биологических подходов для растений томата и табака описано 11 семейств таких *PR*-генов. Большинство продуктов этих генов, *PR*-белков, представляет собой ферменты, так или иначе повышающие сопротивляемость растения патогену (Edreva, 2005).

Биотрофный гриб *Cladosporium fulvum* (Cooke), возбудитель бурой пятнистости листьев, и растения томата (*Solanum lycopersicum* Miller) – единственные хозяева для этого фитопатогена, давно уже являются модельной патосистемой для изучения гипотезы «ген-на-ген» (Cai et al., 2001). Для сравнения развития защитных реакций с конечной целью разработки эффективных методов защиты томата от патогенов в настоящей работе исследовано развитие защитных реакций томата при совместимом и несовместимом взаимодействии с *C. fulvum*.

Для моделирования совместимого и несовместимого взаимодействий томата с *C. fulvum* растения сорта Moneymaker (не имеющие в своем геноме *Cf*-генов) и растения изогенной линии с геном *Cf-5* были заражены несущей ген *Avr5* расой *C. fulvum*, после чего было оценено изменение уровня экспрессии ряда *PR*-генов относительно такового незараженных растений. В связи с этим мы определяли уровень транскрипции известных *PR*-генов методом КПЦР через 1, 5, 10 и, наконец, через 28 суток после заражения при развитии четких фенотипических симптомов (типичной бурой пятнистости у растений сорта Moneymaker и реакции гиперчувствительности у линии *Cf-5*).

Наиболее четкой и воспроизводимой оказалась десятикратная индукция маркеров гиперчувствительности *HSR203J* и *HSR515*. Следует отметить, что